

Les données

Sur rfam, vous pouvez trouver de quoi télécharger des données sur l'alignement des ARN dans l'onglet "alignment" (par exemple : <https://rfam.xfam.org/family/RF00005#tabview=tab2>) en format Stockholm.

Ces données contiennent une prédiction de structure secondaire, dans un champs `#=GC SS_cons` selon le format WUSS (<https://docs.rfam.org/en/latest/glossary.html#wuss-format>). Ces structures peuvent dans certains cas contenir des pseudos nœuds.

Travail à effectuer :

- Pouvoir par notre programme prendre la chaîne de caractère correspondant au format donné et construire vos structures d'ARN, avec votre système de parenthésage.
Dans un premier temps vous pouvez supposer (et choisir) uniquement des structures sans pseudo-nœuds.
- Détecter les pseudos-nœuds dans les données entrantes : soit lever une exception, soit les supprimer (après proposition ou avertissement à l'utilisateur)
- Pouvoir prendre un fichier .txt en format Stockholm et en extraire la structure secondaire
- Adapter votre interface graphique pour permettre les différents cas d'utilisation (entrées sous formes de chaînes de caractères, par fichier)
- Gérer les différents cas d'erreur possibles (mauvais format)